

稻鸭与稻鱼生态系统土壤微生物量 N 和土壤酶活性动态

李成芳¹, 曹凑贵^{1,*}, 徐拥华², 汪金平¹, 展 茗¹, 杨学伟¹, 庞海东¹

(1. 华中农业大学植物科技学院作物栽培与生理生态研究中心, 武汉 430070; 2. 武汉科技大学中南分校, 武汉 430070)

摘要:在一个水稻生长季节,采用田间采样与室内分析的方法,利用氯仿熏蒸培养法、苯酚钠比色法、TTC 比色法、高锰酸钾滴定法和茚三酮比色法测定和研究了稻鸭与稻鱼生态系统稻田土壤微生物量 N(MBN)和土壤脲酶、脱氢酶、过氧化氢酶和蛋白酶活性的动态变化,及其与土壤养分和水稻吸 N 量的相关性。结果表明,(1)随着水稻的生长,土壤微生物量 N 表现为先上升随后下降,于成熟期有所回升趋势;土壤微生物量 N 与土壤速效 N、全 N 和全 P 不相关;由于水稻与微生物对养分的竞争,土壤微生物量 N 与水稻吸 N 量不相关;稻田养鸭,养鱼显著地提高了土壤微生物量 N。(2)土壤脲酶、脱氢酶和蛋白酶活性都表现出先上升后下降趋势,而过氧化氢酶活性变化不大;稻鸭与稻鱼共作显著地提高了土壤脲酶、脱氢酶和蛋白酶活性,而对过氧化氢酶活性影响不大;线性相关分析表明,在一个稻季内,土壤脲酶和脱氢酶活性与土壤速效 N 负相关,土壤脲酶、脱氢酶、过氧化氢酶和蛋白酶活性与土壤全 N 和全 P 不相关;土壤脲酶、脱氢酶和蛋白酶活性与水稻吸 N 量呈显著相关。(3)稻田土壤微生物量 N 与土壤酶不相关。

关键词:稻鸭与稻鱼生态系统;微生物量氮(MBN);土壤酶;动态;吸 N 量;相关性

文章编号:1000-0933(2008)08-3905-08 中图分类号:S153.6+1 文献标识码:A

Dynamics of soil microbial biomass N and soil enzymes activities in rice-duck and rice-fish ecosystems

LI Cheng-Fang¹, CAO Cou-Gui^{1,*}, XU Yong-Hua², WANG Jin-Ping¹, ZHAN Ming¹, YANG Xue-Wei¹, PANG Hai-Dong¹

1 Crop Production, Physiology and Ecology Center, Huazhong Agricultural University, 430070 Wuhan, China

2 Wuhan University of Science and Technology Zhongnan Branch, 430070 Wuhan, China

Acta Ecologica Sinica, 2008, 28(8): 3905 ~ 3912.

Abstract: Field experiments were conducted to study dynamics of soil microbial biomass N (MBN) and soil enzyme activities including urease, dehydrogenase, catalase and protease activities, and correlations with soil nutrients and N uptake of rice in rice-duck and rice-fish ecosystems from May to September in 2007. The experiment field was averagely divided into nine plots for three different treatments, and the three experimental treatments were (1) conventional rice field (CK), (2) rice-duck ecosystem (RD) and (3) rice-fish ecosystem (RF). The results showed that RD and RF could enhance soil MBN content and urease, dehydrogenase and protease activity but not affected catalase activity. During rice

基金项目:国家重大科技专项资助项目(2004BA520A02)

收稿日期:2007-11-15; 修订日期:2008-04-22

作者简介:李成芳(1978~),男,福建省厦门市,博士,主要从事农业生态系统分析与水土保持研究. E-mail:lichengfang@126.com

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: cegui@mail.hzau.edu.cn

致谢:感谢胡红青教授给予的指导与帮助,同时感谢华中农业大学资源与环境学院胡荣贵教授,叶祥盛高级工程师和植物科技学院蔡明历老师提供的便利。

Foundation item: The project was financially supported by National Foundation of Key Science of China (No. 2004BA520A02)

Received date: 2007-11-15; **Accepted date:** 2008-04-22

Biography: LI Cheng-Fang, Ph. D., mainly engaged in agricultural ecosystem and soil and water conservation. E-mail: lichengfang@126.com

growth, soil MBN content increased firstly after transplantation, and subsequently decreased and slightly increased at rice autumn. The soil enzymes activities ascended at the early stage and then declined slightly except that catalase activity slightly changed. Linear regression analysis showed that no close correlations existed between soil MBN and soil enzymes activities, soil nutrients (available N ($\text{NH}_4^+ + \text{NO}_3^-$), total N and total P) and N uptake of rice, and between soil enzymes activities and soil total N and total P. Moreover, Soil urease and dehydrogenase activities were closely related to soil available N, and N uptake of rice was closely related to soil urease, dehydrogenase and protease activities.

Key Words: rice-duck; rice-fish ecosystem; soil microbial biomass N; soil enzymes; dynamics; N uptake; correlations

土壤微生物量在土壤有机物的分解和养分循环中起着重要的作用^[1,2],是反映农田土壤的物理化学性质变化的指标之一^[3~5]。虽然微生物量 N 只占土壤全 N 的 1% ~ 5%,但它是土壤中最活跃的 N 库^[6],并影响着土壤无机 N 的有效性和损失^[7]。因此,土壤微生物量 N 的测定对于定量农田生态系统 N 动态变化具有重要的意义。土壤酶是一种具有专性催化作用的蛋白质,来自土壤微生物、植物和动物活体或残体,是土壤生化过程的产物^[8],它表征了土壤的综合肥力特征及其土壤养分转化进程。脲酶将尿素水解成二氧化碳和氨,并在所有参与土壤 N 循环的酶中,其作用最为突出^[9];脱氢酶反映出土壤微生物量的氧化性和土壤微生物新陈代谢活性^[10];过氧化氢酶与土壤有机质的转化速度有密切关系;蛋白酶参与土壤中含 N 有机化合物的转化,其水解产物是高等植物的 N 源之一^[8]。水稻的生长发育是在复杂的环境中进行,影响着土壤微生物,进而影响着土壤微生物量和土壤酶的活性。

稻鱼共作生态系统是我国南方稻作区主要的一种种养模式,具有 1700 多年的历史^[11]。以稻田养鱼为主的各项稻田综合利用,已成为一项提高水稻栽培产量和生态经济效益的技术措施^[12~17];稻田露宿养鸭是在其基础上发展起来的一种综合利用方式,研究已表明稻鸭共作具有较高经济价值和生态效益^[18~21]。然而目前对稻鸭、稻鱼共作生态系统中土壤微生物量 N 和土壤酶活性的动态变化尚未见报道,因此本文通过田间试验研究了稻鸭、稻鱼共作生态系统土壤微生物量 N 和土壤酶活性的动态变化及其与土壤养分和作物吸 N 的相关性,为稻田肥料管理及推广稻鸭、稻鱼共作措施提供理论依据。

2 材料与方法

2.1 试验地点和土壤

本研究于 2007 年 5 月至 9 月在华中农业大学试验农场进行,前作为油菜。实验地土壤为第四纪黄土性沉积物发育的水稻土,耕层土壤厚 20 cm,下为 10 cm 厚的犁底层;地下水位常年深埋在 1.5 m 以下。其基本肥力性质为:全 N $1.09 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$,全 P $1.17 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$,有机质 $16.76 \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$,硝态氮 $12.1 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$,铵态氮 $0.52 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$,土壤 pH 值为 6.8。

2.2 试验材料

中稻品种:两优培九(*Oryza sativa* L.),鸭子为本地麻鸭(*Tadorna*),鱼为鲫鱼(*Carassius auratus gibelio*)。

2.3 田间设置及管理

2.3.1 试验设计

试验田面积 1260 m^2 ,分为 9 个小区,每小区 140 m^2 。设 3 个处理,处理 I:不放鸭不放鱼(CK);处理 II:放鸭 6 只(RD,以每公顷放养 450 只公鸭为标准);处理 III:放养 200 条鲫鱼(RF)。各小区随机区组设计,3 次重复。

2.3.2 田间管理

5 月 25 日田间接地时并于泡田后 4d 施基肥(尿素) $225 \text{ kg N} \cdot \text{hm}^{-2}$,在水稻生长期不再追肥。2007 年 5 月 31 日移栽,每 666.7 m^2 15000 穴,每穴 1 苗,9 月 8 日收割。

小区间用泥巴砌成田埂,覆上地膜,防止肥水串流。田间开挖围沟,深 30 cm、宽 40 cm。对于养鱼小区,

于返青期(6月14日)放入200尾鱼苗(长约5 cm),并于8月20日收回,养鱼期间田间水维持在10 cm深。对于养鸭处理,小区以4指规格尼纶丝网沿田埂围隔,围网高度为0.6~0.8 m,以防鸭逃走。水稻以宽窄行(26.6 cm×16.7 cm)栽插,各小区均实行浅水淹灌(无沟处水深5 cm)。水稻移栽后半个月放15日龄的雏鸭。在养鸭小区一角落放置一鸭棚,以便鸭子休憩和喂食(其目的为防止饲料进入稻田土壤和水体;饲料为农家肉鸡花料,碳水化合物饲料,主要组分为玉米60.2%,豆粕27%,鱼粉2%,菜粕4%,棉粕3%,磷酸氢钙1.3%,石粉1.2%,食盐0.3%,添加剂1%);在水稻齐穗期(8月20日)收鸭子,在此期间稻鸭共同生长,且此后稻田不再灌溉。在水稻全生育期,常规小区除不放鸭不养鱼,其他农艺措施均与养鸭养鱼小区一致。

2.4 田间取样及分析方法

采样方式为S形5点采样法,土样采集从6月1日起,每隔7~9d采1次样。土样采样耕作层0~20 cm表土,混匀,送回实验室进行前处理;用铲子挖5株水稻植株(包括根系),洗去根系上土壤,烘干称重,磨碎混合,测定植株含N量。

土壤全N、P和植株全N含量采用浓 $\text{H}_2\text{SO}_4 + \text{HClO}_4$ 和浓 $\text{H}_2\text{SO}_4 + \text{H}_2\text{O}_2$ 消化-FIAstar5000连续流动注射分析仪测定;土壤有效N($\text{NH}_4^+ + \text{NO}_3^-$)含量用 $2 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1}$ KCl浸提-FIAstar5000连续流动注射分析仪测定^[22];土壤微生物量N用氯仿熏蒸, $0.5 \text{ mol} \cdot \text{L}^{-1}$ K_2SO_4 提取,经消化用FIAstar5000连续流动注射分析仪测定^[3];土壤脲酶活性、脱氢酶活性、过氧化氢酶活性和蛋白酶活性依次采用苯酚钠比色法、TTC比色法、高锰酸钾滴定法和茚三酮比色法测定^[8]。

水稻植株吸N量为水稻含N量与干物质重的乘积。

试验结果均以每次测得的3次重复分析的平均值与标准差来表示,试验数据采用SPSS11.5软件统计分析。

3 结果

3.1 土壤微生物量 N

图1为一个稻季土壤微生物量N的动态变化特征。水稻移栽后2周,土壤微生物量N迅速升高,并达到峰值(CK, $26.15 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$; RD, $28.31 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$; RF, $28.85 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$);随后逐渐降低并趋于平缓;在成熟期,略有回升。从图1还可以看出,CK土壤微生物量N低于RD和RF;CK土壤微生物量N均值为 $(20.86 \pm 4.88) \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$,是RD($(22.68 \pm 4.57) \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$)的92% ($p < 0.05$)和RF($(22.40 \pm 4.85) \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$)的93% ($p < 0.05$)。

3.2 土壤酶活性

图2表明,水稻移栽后一个月,土壤脲酶活性逐渐升高,并在7月1日到达极大值,此后略为降低并保持稳定,在收获时达到最小值。在水稻全生育期,CK土壤脲酶活性平均值为 $(0.63 \pm 0.25) \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1}$,显著低于RD 13% ($p < 0.01$)和RF 8% ($p < 0.05$)。

土壤脱氢酶活性的变化与脲酶活性变化类似,即移栽后1个月逐渐升高并达到极大值,随后略微降低并保持稳定,在收获时降至较小值(图3)。在水稻全生育期,RD和RF土壤脱氢酶活性平均值分别为 $(14.66 \pm 6.08) \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$ 和 $(14.16 \pm 5.98) \text{ g} \cdot \text{kg}^{-1}$,高于CK的17% ($p < 0.01$)和13% ($p < 0.01$)。

图4表明,在水稻全生育期,土壤过氧化氢酶活性没有出现较大变化,在 $0.12 \sim 0.18 \text{ ml} \cdot \text{g}^{-1}$ 波动;3个处理的土壤过氧化氢酶活性相当,其均值分别为 (0.15 ± 0.02) , $(0.15 \pm 0.02) \text{ ml} \cdot \text{g}^{-1}$ 和 $(0.14 \pm 0.02) \text{ ml} \cdot \text{g}^{-1}$ 。

稻田土壤蛋白酶活性的变化趋势较脲酶活性和脱氢酶活性变化趋势有所不同,即移栽后逐渐升高,7月8日到达峰值,较脲酶活性和脱氢酶活性到达峰值时间推迟了1周;而后逐渐降低,在成熟期处于较低值(图

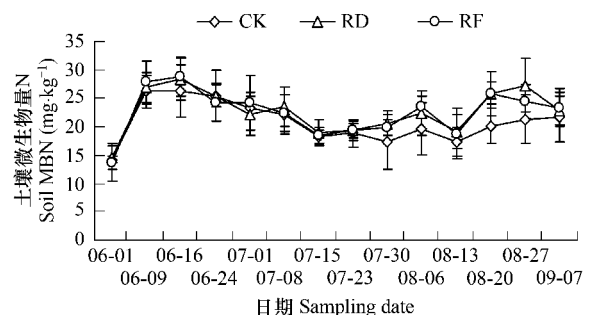


图1 2007年稻田土壤微生物量N变化

Fig. 1 Variations of soil MBN in paddy fields(2007)

5)。CK 蛋白酶活性的均值为 $(1.52 \pm 0.77) \text{ mg} \cdot \text{g}^{-1}$, 显著低于 RD 14% ($p < 0.01$) 和 RF 10% ($p < 0.01$)。

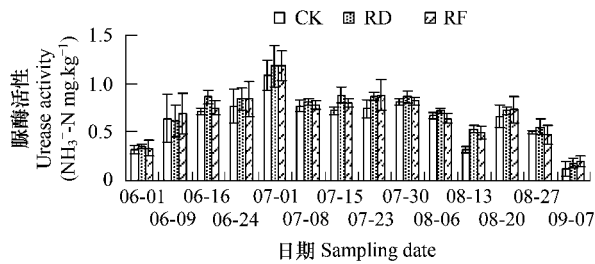


图2 2007年稻田土壤脲酶活性的变化

Fig. 2 Variations of soil urease activity in paddy fields(2007)

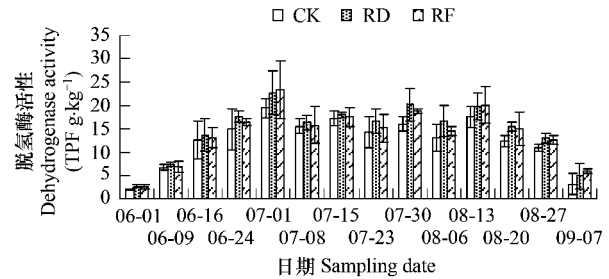


图3 2007年稻田土壤脱氢酶活性的变化

Fig. 3 Variations of soil dehydrogenase activity in paddy fields(2007)

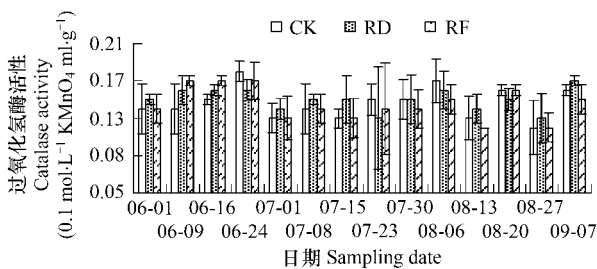


图4 2007年稻田土壤过氧化氢酶活性的变化

Fig. 4 Variations of soil catalase activity in paddy fields(2007)

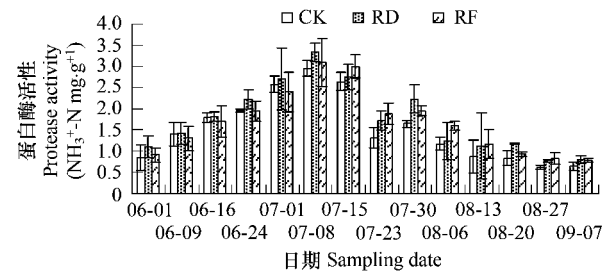


图5 2007年稻田土壤蛋白酶活性的变化

Fig. 5 Variations of soil protease activity in paddy fields(2007)

3.3 水稻吸 N

表1可知,在苗期(6月1日至6月16日),水稻生长缓慢,水稻对N的吸收能力弱,水稻吸N量为 $6.86 \sim 12.83 \text{ kg N} \cdot \text{hm}^{-2}$;在6月16日至8月20日,水稻生长旺盛,吸N能力强,水稻吸N量为 $195.13 \sim 231.80 \text{ kg N} \cdot \text{hm}^{-2}$,占总吸N量的83%~89%;而进入成熟期,对N吸收减弱。对于RD和RF,总的吸N量分别为273.65和279.2 $\text{kg N} \cdot \text{hm}^{-2}$,显著高于CK的 $219.95 \text{ kg N} \cdot \text{hm}^{-2}$ ($p < 0.01$)。

表1 不同生育阶段水稻吸N量

Table 1 N uptake of rice in different growth stages of rice ($\text{kg N} \cdot \text{hm}^{-2}$)

处理 Treatments	06-01 ~ 06-16	06-16 ~ 08-20	08-20 ~ 09-07	总吸N量 Total N uptake
CK	6.86	195.13	4.96	219.95A
RD	11.71	233.46	20.98	273.65B
RF	12.83	231.80	30.25	279.22B

同一列中不同的大写字母表示在1%水平的显著差异 Different capitals in a column represent a significance at 1% level

3.4 相关性分析

由表2和表3可知,在水稻全生育期,土壤MBN(微生物量N)与土壤有效N、全N、全P和水稻吸N量不相关;土壤脲酶和脱氢酶与土壤有效N和水稻吸N量呈显著或极显著负相关,土壤过氧化氢酶则与土壤有效N、全N、全P和水稻吸N量不相关,而土壤蛋白酶只与水稻吸N量呈负相关。

表2 土壤MBN与土壤有效N(SIN)、全N(TN)、全P(TP)和水稻吸N量的相关性, $n=42$

Table 2 Linear correlations between MBN and soil available N (SIN), total N (TN), total P (TP) and N uptake of rice

处理 Treatments	SIN	TN	TP	水稻吸N量 N uptake of rice
CK-MBN	0.071	0.160	0.196	-0.220
RD-MBN	0.131	0.214	0.380 *	-0.093
RF-MBN	0.124	0.331 *	0.290	-0.084

表 3 土壤酶与土壤养分及水稻吸 N 量的相关性, $n=42$ Table 3 Linear correlations between soil enzymes and soil nutrients and N uptake of rice, $n=42$

项目 Items	SIN	TN	TP	土壤微生物量 N Soil MBN	水稻吸 N 量 N uptake of rice
CK-UR	-0.328 *	0.179	0.335 *	0.166	-0.383 *
RD-UR	-0.374 *	0.182	0.124	0.127	-0.356 *
RF-UR	-0.329 *	0.149	0.222	0.157	-0.350 *
CK-DE	-0.656 **	0.262	0.014	0.076	-0.404 **
RD-DE	-0.729 **	0.205	0.044	0.104	-0.313 *
RF-DE	-0.678 **	0.309 *	0.077	0.010	-0.378 *
CK-CA	-0.053	0.048	-0.171	0.077	0.020
RD-CA	0.120	0.048	-0.150	0.195	-0.099
RF-CA	0.159	-0.127	0.033	0.423 **	-0.351 *
CK-PR	-0.203	-0.231	-0.104	0.189	-0.529 **
RD-PR	-0.291	-0.135	0.010	0.020	-0.430 **
RF-PR	-0.267	-0.164	0.014	-0.094	-0.373 *

UR, 脲酶; DE, 脱氢酶; CA, 过氧化氢酶; PR, 蛋白酶 UR, urease; DE, dehydrogenase; CA, catalase; PR, protease

4 讨论

4.1 稻田土壤微生物量 N 动态及其与土壤养分、水稻吸 N 量的相关性

图 1 是一个稻季不同处理稻田土壤微生物量 N 的动态变化曲线。3 个处理的土壤微生物量 N 具有相似的规律。即水稻移栽后的前 2 周(苗期),土壤中微生物量 N 略增加,但随着水稻生长,微生物量 N 逐渐减少,到 7 月 15 日,土壤中的微生物量 N 只有 6 月 16 日的 69% (CK)、67% (RD)和 64% (RF);到 8 月 20 日,土壤微生物量 N 有所回升,与 7 月 15 日相比,CK、RD 和 RF 分别增加了 11%、37% 和 40%。造成稻田土壤微生物量 N 在苗期升高,后随着水稻生长期的延长下降,在成熟期有所回升的原因可能是水稻和微生物生长竞争的结果。由图 1 和表 1 可知,移栽后 2 周,水稻正处于苗期,水稻根系处于扎根期,生长较缓慢,对土壤养分的吸收能力弱,因此有利土壤微生物的增殖^[23],此外在苗期,大量前作油菜根茬、茎叶留田为微生物的增殖提供能源物质^[24,25],故在此期间土壤微生物量 N 升高。在水稻苗期至成熟期间,随着水稻生长期的延长,水稻地上部分生长快,地下部分根系生长壮大,水稻吸收土壤速效养分的能力增强,与微生物竞争速效养分使微生物同化作用减弱,土壤微生物数量减少^[26],导致土壤微生物量显著下降。这与部分学者的研究结果一致^[27,28]。8 月 20 日后,水稻处于成熟期,水稻根系生长减缓,与土壤微生物的养分竞争作用减弱,土壤微生物数量有所回升,因此土壤微生物 N 有所增加。

图 1 还可看出,RD 与 RF 土壤微生物量 N 含量显著高于 CK,这与鸭子和鱼的存在有关。鸭子和鱼生活产生的粪便增加了土壤养分^[12,20,21],为微生物的增殖提供了良好条件;此外,鸭子和鱼的活动能改善稻田土壤氧化还原电位^[20,21],土壤微生物大量增殖^[30],故土壤微生物量 N 含量增加。

土壤微生物量 N 是土壤微生物体中所固定的 N 素,有研究表明土壤微生物量 N 含量与土壤全 N、土壤碱解 N 含量成极显著的正相关关系^[29],土壤微生物量 N 的变化趋势与水稻对土壤养分的吸收直接有关^[27]。本研究表明,在水稻全生育期,土壤速效 N、全 N 和全 P 与土壤微生物量 N 不相关。这可能与水稻和微生物对养分的竞争有关。如上所述,在苗期,微生物对养分的吸收占据主导地位;此后,随水稻根系的壮大,水稻吸 N 能力增强,而微生物对土壤养分的吸收能力降低,故土壤微生物所固定的 N 含量呈现出与土壤养分和水稻吸 N 量不同的变化趋势。

4.2 稻田土壤酶活性动态及其与土壤养分、水稻吸 N 量的相关性

从图 2、3 和 5 可看出,在一个稻季,3 个处理的土壤脲酶、脱氢酶和蛋白酶活性在水稻生长前期呈现上升趋势,大约在水稻生长分蘖期出现酶活性高峰,以后酶活性略微降低,并在收获时降到较低值。表明土壤脲酶、脱氢酶和蛋白酶活性大小与水稻生长有关。在水稻移栽后的前两周,水稻根系处于恢复和扎根阶段,根系

代谢弱,酶代谢能力低下,活性较低^[23]。此后,分蘖期到孕穗期这段时间,随着水稻生长对养分的需求增强,水稻生长处于最旺盛的阶段,也是土壤酶活性最强的时期。水稻根系代谢旺盛、根系分泌物和脱落物增多,丰富的基质促进了土壤微生物、酶代谢活动增强^[26],酶活性上升,并达到最大值。水稻成熟期,根系衰老,根系分泌物减少,土壤酶活性减弱。在水稻全生育期,土壤过氧化氢酶活性波动不大,且3个处理间差异不大,其具体的原因尚未得知。

RD, RF 土壤脲酶、脱氢酶和蛋白酶活性显著高于 CK,这可能与稻田养鸭养鱼有关。土壤酶是土壤活性蛋白质,一方面来源于土壤微生物的分泌^[8]。鸭子和鱼的存在提高了土壤养分,改善了土壤氧化还原状况,有利于土壤微生物的增殖^[12,20,21,30],因此土壤酶活性提高;另一方面来源于水稻根系的分泌,受水稻不同生育期的生命活动强弱所支配。研究表明,鸭子和鱼的存在能够抑制杂草藻类的生长^[16,20,21],提高水稻对养分的吸收^[31],促进水稻根系的生长,其分泌物增多,因此土壤酶活性增强。

土壤酶催化土壤中的一切生物化学反应,对土壤肥力有着重要影响。土壤酶活性与土壤肥力间存在显著相关^[32]。本试验表明(表3),在一个稻季,稻田土壤脲酶和脱氢酶与土壤速效 N 显著负相关,而土壤过氧化氢酶和蛋白酶也与土壤速效 N 成较好相关,但没达到显著水平;土壤脲酶、脱氢酶、过氧化氢酶和蛋白酶与土壤全 N、全 P 不相关。这表明,可以土壤脲酶和脱氢酶活性大小可以反映土壤速效 N 的盈亏状况。同时,从表3还可以看出,水稻吸 N 量与土壤脲酶、脱氢酶和蛋白酶呈负相关,进一步表明水稻生长是影响稻田土壤酶活性大小的关键因素。

4.3 稻田土壤微生物量 N 与土壤酶的相关性

研究表明,部分土壤酶来源于土壤微生物的分泌物^[8],因此土壤微生物量的变化必然影响对土壤酶活性。然而,由表3看出,稻田土壤微生物量 N 与土壤酶不相关,这可能与水稻和微生物对养分的竞争有关。如上讨论,在水稻全生育期,水稻与微生物对养分的吸收处于“此消彼长”的关系,因此造成土壤酶活性的变化与土壤微生物量 N 的变化不一致的现象^[33]。

5 结论

(1)在水稻全生育期,土壤微生物量 N 表现为先升后降,并于成熟期有所回升的趋势;线性相关分析表明了土壤微生物量 N 与土壤速效 N、土壤全 N 和全 P 之间不存在显著相关;由于水稻与微生物对养分的竞争,导致土壤微生物量 N 与水稻吸 N 量不相关;同时,研究表明,稻田养鸭,养鱼显著地提高了土壤微生物量 N。

(2)在水稻全生育期,土壤脲酶、脱氢酶和蛋白酶活性都表现为先升后降,过氧化氢酶活性变化不大;稻田养鸭,养鱼显著地提高了土壤脲酶、脱氢酶和蛋白酶活性,而对过氧化氢酶活性影响不大;线性相关分析表明,土壤脲酶和脱氢酶活性与土壤速效 N 负相关,土壤酶活性与土壤全 N、全 P 不相关;土壤脲酶、脱氢酶和蛋白酶活性与水稻吸 N 量呈显著相关。

(3)在水稻全生育期,稻田土壤微生物量 N 与土壤酶不相关。

References:

- [1] Friedel J K, Munch J C, Fischer W R. Soil microbial properties and the assessment of available soil organic matter in a haplic luvisol after several years of different cultivation and crop rotation. *Soil Biol Biochem*, 1996, 28:479—488.
- [2] Jenkinson D S. Determination of microbial biomass carbon and nitrogen in soil. In: Wilson J R ed. *Advances in nitrogen cycling in agricultural ecosystems*. CAB Wallingford, UK, 1988. 368—386.
- [3] Brookes P C, Landman A, Pruden G, *et al.* Chloroform fumigation and the release of soil nitrogen: a rapid direct extraction method to measure microbial biomass nitrogen in soil. *Soil Biol Biochem*, 1985, 17:837—842
- [4] Jordan D, Kremer R J, Bergfield W A, *et al.* Evaluation of microbial methods as potential indicators of soil quality in historical agricultural fields. *Biol Fertil Soils*, 1995, 19:297—302
- [5] Trasar-Cepeda C, Leir s C, Gil-Sotres F, *et al.* Towards a biochemical quality index for soils: an expression relating several biological and biochemical properties. *Biol Fertil Soils*, 1998, 26:100—106.

- [6] Jenkinson D S, Ladd J N. Microbial biomass in soil: measurement and turnover. In: Paul EA, Ladd JN eds. Soil biochemistry, vol 5. Decker, New York, 1981. 415—417.
- [7] Zak D R, Groffman P M, Pregitzer K S, *et al.* The vernal dam: plant microbe competition for nitrogen in northern hardwood forests. Ecology, 1990, 71:651—656.
- [8] Guan S Y. Soil enzyme and research technology. Beijing: Agriculture Press, 1986. 14—15, 294—333.
- [9] Cookson P. Special variation in soil urease activity around irrigated date palms. Arid Soil Res Rehabilitation, 1999, 13:155—169.
- [10] Nannipieri P, Gregos S, Ceccanti B. Ecological significance of the biological activity in soil. In: Bollag JM, Stotzy G, eds. Soil Biochemistry, vol. 6. Marcel Dekker, New York, USA, 1990. 293—355.
- [11] Lu J B, Li X. Review of rice-fish-farming systems in China-one of the globally important ingenious agricultural heritage systems (GIAHS). Aquaculture, 2006, 260:16—113.
- [12] Lightfoot C, van Dam A, Costa-Pierce B. What's happening to rice yields in rice fish systems? In: dela Cruz C R, Lightfoot C, Costa-Pierce B A, Carangal VR, Bimbao MP, eds. Rice Fish Research and Development in Asia. ICLARM. Conf Proc, 1992, 245—254.
- [13] Frei M, Becker K. Integrated rice fish culture: coupled production saves resources. Nat Resour Forum, 2005, 29:135—143.
- [14] Frei M, Becker K. Integrated rice fish production and methane emission under greenhouse conditions. Agric Ecosyst Environ, 2005, 107:51—56.
- [15] Liu X Y, Huang H, Yang Z P, *et al.* Methane emission from rice-duck-fish complex ecosystem. Ecol Environ, 2006, 15(2):265—269.
- [16] Frei M, Khan M A M, Razzak M A, *et al.* Effects of a mixed culture of common carp, *Cyprinus carpio* L., and Nile tilapia, *Oreochromis niloticus* (L.), on terrestrial arthropod population, benthic fauna, and weed biomass in rice fields in Bangladesh. Biol Control, 2007, 41:207—213.
- [17] Frei M, Razzak M A, Hossain M M, *et al.* Methane emissions and related physicochemical soil and water parameters in rice-fish systems in Bangladesh. Agric Ecosyst Environ doi:10.1016/j.agee.2006.10.013, 2007.
- [18] Ekurem E, Ryohei Y. Comparative studies on behavior, weeding and pest control of duck free ranged in paddy fields. Jpn Poult Sci, 1996, 33:261—267.
- [19] Wang H, Huang H. Analysis on ecological and economic benefits of complex ecosystem in wetland paddy fields. Chinese Agric Sci Bull, 2002, 18(1):71—75.
- [20] Wang H, Huang H, Yang Z H, *et al.* Integrated benefits of rice-duck complex ecosystem. Rural Eco-Environ, 2003, 19:23—26, 44.
- [21] Wang Y. Studies on ecological benefits of planting and breeding model in rice fields. Acta Ecol Sinica, 3:45—48.
- [22] Bao S D. Soil agriculture chemistry analysis. Beijing: Chinese Agriculture Press, 2000. 42—56, 265—266.
- [23] Liao M, Xie X M, Wu L X. Effects of dry-cultivated and plastic film-mulched rice planting on microorganism ecological quality in a paddy field soil. Chinese J Rice Sci, 2002, 16(3):243—246.
- [24] Saffigna P G, Powlson D S, Brookes P C, *et al.* Influence of Sorghum residues and tillage on soil organic matter and soil microbial biomass in an Australian Vertisol. Soil Biol Biochem, 1989, 21(6):759—765.
- [25] Kushwaha C P, Tripathi S K, Singh K P. Variations in soil microbial biomass and N availability due to residue and tillage management in a dryland rice agroecosystem. Soil Till Res, 2000, 56:153—166.
- [26] Liesack W, Schnell S, Revsbech N P. Microbiology of flooded rice paddies. FEMS Microbiol Res, 2000, 24:625—645.
- [27] Franzluebbers A J, Hons F M, Zuberer D A. Seasonal changes in soil microbial biomass and mineralizable C and N in wheat management systems. Soil Biol Biochem, 1994, 26(11):1469—1475.
- [28] Singh H, Singh K P. Effect of residue placement and chemical fertilizer on soil microbial biomass under tropical dryland cultivation. Biol Fertil Soils, 1993, 16:275—281.
- [29] Wang S P, Zhou G S, Sun C Z, *et al.* The dynamics of soil microbial biomass nitrogen and its biological availability. Plant Nutri Fertil Sci, 2003, 9(1):87—90.
- [30] Tan Z J, Tang H T, Yu C X. Dynamic changes of soil microbes based on rice straw incorporation. Hunan Agric Sci, 2001, 4:30—31, 33.
- [31] Li C F, Cao C G, Zhan M. Study on N variations of paddy fields and amounts of soil microorganisms in rice-duck complex ecosystem. Acta Ecologica Sinica, 2008, 28(5): 2115—2122
- [32] Liu G D, Xu D M, Xu Z J, *et al.* Relationship between hydrolase activity in soils and soil properties in Zhejiang Province. Acta Pedologica

Sinica, 2003, 40(5):756—762.

- [33] Zeng L S, Liao M, Huang C Y, *et al.* Variation of soil microbial biomass and enzyme activities at different developmental stages in rice. Chinese J Rice Sci, 2005, 19(5):441—446.

参考文献:

- [8] 关松荫. 土壤酶及其研究法. 北京:农业出版社, 1986. 14~15, 294~333.
- [15] 刘小燕, 黄璜, 杨治平, 等. 稻鸭鱼共栖生态系统 CH_4 排放规律研究. 生态环境, 2006, 15(2):265~269.
- [19] 王华, 黄璜. 湿地稻田养鱼、鸭复合生态系统生态经济效益分析. 中国农学通报, 2002, 18(1):71~75.
- [20] 王华, 黄璜, 杨志辉, 等. 湿地稻-鸭复合生态系统综合效益研究. 农村生态环境, 2003, 3:23~26, 44.
- [21] 王纓. 稻田种养模式生态效益研究. 生态学报, 2000, 20(2):311~316.
- [22] 鲍士旦. 土壤农化分析. 北京:中国农业出版社, 2000. 42~56, 265~266.
- [23] 廖敏, 谢晓梅, 吴良欢. 水稻覆膜旱作对稻田土壤微生物生态质量的影响. 中国水稻科学, 2002, 16(3):243~246.
- [29] 王淑平, 周广胜, 孙长占, 等. 土壤微生物量氮的动态及其生物有效性研究. 植物营养与肥料学报, 2003, 9(1):87~90.
- [30] 谭周进, 汤海涛, 余崇祥. 秸秆还田栽培晚稻土壤微生物动态研究. 湖南农业科学, 2001, 4:30~31, 33.
- [31] 李成芳, 曹凑贵, 展茗. 稻鸭共作对稻田氮素变化及土壤微生物的影响. 生态学报, 2008, 28(5):2115~2122.
- [32] 刘广深, 徐冬梅, 许中坚, 等. 用通径分析法研究土壤水解酶活性与土壤性质的关系. 土壤学报, 2003, 40(5):756~762.
- [33] 曾路生, 廖敏, 黄昌勇, 等. 水稻不同生育期的土壤微生物量和酶活性的变化. 中国水稻科学, 2005, 19(5):441~446.